ARTIGO DE REVISÃO

Resistência antimicrobiana em ambientes naturais e antrópicos: disseminação, riscos e vigilância integrada

Antimicrobial resistance in natural and anthropogenic environments: dissemination, risks, and integrated surveillance

Gabriel Teixeira Dantas[1], Celso Gabriel Barroso Filho[2,3], Vânia Maria Maciel Melo[4], Júlio César Martins Ximenes[5]

1. Discente do curso de Biomedicina, Centro Universitário Christus (UNICHRISTUS), Fortaleza, CE, Brasil. 2. Doutorando pelo Programa de Biotecnologia, Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, CE, Brasil. 3. Docente do Instituto Federal do Ceará (IFC), Morada Nova, CE, Brasil. 4. Docente do curso de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, CE, Brasil. 5. Pesquisador na Fundação Osvaldo Cruz, Centro Pasteur Fiocruz de Imunologia e Imunoterapia, Eusébio, CE, Brasil.

Resumo

Objetivo: reunir e interpretar evidências sobre a resistência antimicrobiana (RAM) em ambientes naturais e antrópicos, discutindo sua disseminação, os riscos à saúde e as implicações para vigilância integrada (One Health). **Metodologia**: revisão da literatura, por meio de artigos da base de dados PubMed, ScienceDirect e Biblioteca Virtual de Saúde, publicados no período de 2016 a 2024. Foram selecionados artigos, seguindo os critérios de inclusão e exclusão, a partir dos descritores "MDR genes", "antibiotics" e "environment". **Resultados**: este estudo identificou 83 artigos, dos quais 65 foram excluídos por não atenderem os critérios de inclusão, resultando em 18 artigos que compuseram a revisão. Esses trabalhos demonstraram que resistomas diversos ocorrem não apenas em áreas urbanas, mas também em ecossistemas remotos, sugerindo um componente natural e antigo da RAM. Em contextos humanizados, águas superficiais próximas a centros urbanos concentram *E. coli* multirresistente e genes de resistência a antimicrobianos (ARGs), frequentemente associados a biofilmes. Estações de tratamento de esgoto (ETEs) reduzem carga bacteriana, porém liberam ARGs residuais, mantendo o fluxo de resistência. Na agricultura, o reuso de água e resíduos animais introduz ARGs no solo e em alimentos, enquanto metais pesados e biocidas atuam como coseletores e bacteriófagos favorecem transferência horizontal. **Conclusão**: a RAM é multifatorial e ambientalmente disseminada, demandando vigilância integrada contínua, tecnologias de tratamento mais eficazes, uso racional de antibióticos e regulação do reuso que são pilares indispensáveis da abordagem One Health.

Palavras-chave: ambientes naturais; ambientes antrópicos; resistência microbiana.

Abstract

Objective: to compile and interpret evidence on antimicrobial resistance (AMR) in natural and anthropogenic environments, discussing its dissemination, health risks, and implications for integrated surveillance (One Health). **Methods**: an integrative literature review of articles indexed in PubMed, ScienceDirect, and the Virtual Health Library, collected from 2016 to 2024. Studies were selected using predefined inclusion/exclusion criteria, as well as the descriptors "MDR genes," "antibiotics," and "environment." **Results**: this study identified 83 articles, of which 65 were excluded for not meeting the inclusion criteria, resulting in 18 articles that composed the review. These studies demonstrated that diverse resistomes occur not only in urban areas but also in remote ecosystems, suggesting a natural and ancient component of antimicrobial resistance (AMR). In human-impacted settings, surface waters near urban centers concentrate multidrug-resistant *E. coli* and antimicrobial resistance genes (ARGs), often associated with biofilms. Wastewater treatment plants (WWTPs) reduce bacterial loads yet release residual ARGs, sustaining resistance flow. In agriculture, water reuse and animal waste introduce ARGs into soil and food, while heavy metals and biocides act as co-selectors, and bacteriophages facilitate horizontal gene transfer. **Conclusion**: AMR is multifactorial and environmentally widespread, demanding continuous integrated surveillance, more effective treatment technologies, rational antibiotic use, and regulation of water reuse—all indispensable pillars of the One Health approach.

Keywords: natural environments; anthropogenic environments; antimicrobial resistance.

INTRODUÇÃO

Desde o advento do uso clínico de antibióticos no início do século XX, a medicina moderna experimentou avanços transformadores no tratamento de doenças infecciosas. No entanto, esse progresso trouxe consigo um custo significativo. O uso disseminado e frequentemente desregulado de antibióticos impôs uma pressão seletiva artificial sobre as comunidades microbianas, acelerando o surgimento e a disseminação de genes de resistência a antimicrobianos (ARGs)[1,2]. Inicialmente, observada em ambientes clínicos, a resistência antimicrobiana (RAM) expandiu-se para muito além dos hospitais, infiltrando-se na infraestrutura urbana, em ambientes agrícolas e, até mesmo, em ecossistemas remotos com mínima interferência humana[1,3].

Diversos estudos demonstram que a persistência e a propagação da RAM no ambiente estão diretamente associadas

Correspondente: Julio César Martins Ximenes. Endereço: R. São José, s/n - Precabura, Eusébio - CE, 61773-270 - Email: julio.ximenes@fiocruz.br
Conflito de interesse: Os autores declaram não haver conflito de interesse
Recebido em: 10 Set 2025; Revisado em: 3Out 2025; Aceito em: 6 Nov 2025

às atividades humanas. Estações de tratamento de esgoto (ETEs), embora essenciais para o saneamento urbano, muitas vezes, não conseguem eliminar, completamente, bactérias resistentes (ARB) e ARGs, permitindo sua liberação em corpos hídricos receptores e ecossistemas naturais[4-6]. Além disso, esgotos não tratados ou parcialmente tratados — oriundos de hospitais, residências e indústrias — atuam como importantes vias de entrada desses elementos nos sistemas aquáticos[7,8]. Foi constatada a presença de ARGs clinicamente relevantes e bactérias multirresistentes, até mesmo, em locais remotos e aparentemente intocados, como a Antártica e as ilhas vulcânicas, sendo sua ocorrência, frequentemente, associada a elementos genéticos móveis[3,9].

O resistoma ambiental também é moldado por práticas agrícolas, especialmente o uso de antibióticos como promotores de crescimento ou para fins profiláticos em criações animais e na produção vegetal[10-12]. Essas práticas contribuem para o enriquecimento de cepas resistentes e ARGs nos resíduos animais que, frequentemente, retornam ao ambiente por meio de fertilização com esterco ou escoamento superficial, aumentando os riscos de exposição humana e ecológica. A transmissão por alimentos contaminados e a inalação de resistomas presentes no ar — especialmente em áreas densamente povoadas ou mal ventiladas — representam rotas adicionais para disseminação da resistência[8,13].

Globalmente, o impacto da RAM tem-se mostrado alarmante. Em 2019, estimou-se que 1,27 milhão de mortes foram causadas diretamente por infecções resistentes a antibióticos, com projeções indicando que, sem intervenções eficazes, a RAM poderá ultrapassar o câncer como principal causa de morte até 205014. Dados de vigilância de 53 países revelam padrões heterogêneos de consumo e resistência antimicrobiana, refletindo desigualdades nos sistemas de saúde, regulação e gestão ambiental15,16. Paralelamente, análises metagenômicas em larga escala evidenciam a distribuição global de ARGs em esgotos, solos, ar e, até mesmo, em ambientes internos, reforçando a interconexão entre saúde humana, animal e ambiental[17,18].

Diante desse cenário, destaca-se a urgência de estratégias abrangentes e interdisciplinares para a vigilância e a mitigação da resistência antimicrobiana, como analisar, criticamente, a literatura científica sobre a presença, a persistência e a disseminação de genes de resistência antimicrobiana (ARGs) em diferentes interfaces ambientais — incluindo ambientes hospitalares, urbanos, agrícolas e minimamente impactados — com foco nas principais rotas de contaminação, nos riscos à saúde humana e nas implicações ecológicas, à luz do conceito de Saúde Única.

MÉTODOS

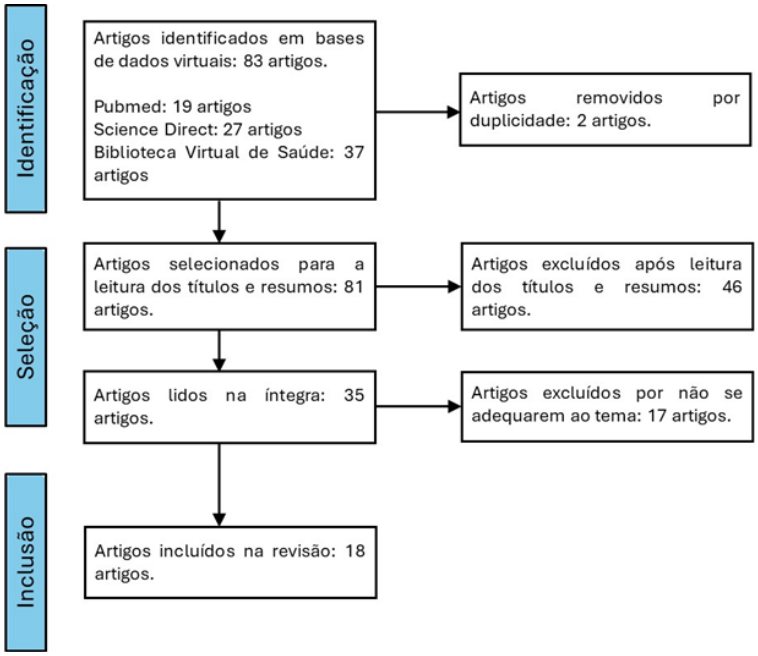
Esta revisão integrativa da literatura foi conduzida em seis etapas: definição do tema e da pergunta norteadora; estabelecimento dos critérios de inclusão e exclusão; busca e extração dos estudos; análise crítica; interpretação dos resultados; síntese dos dados. A busca e a extração ocorreram on-line entre agosto de 2023 e maio de 2024, com acesso às bases dados disponíveis via PubMed, ScienceDirect e Biblioteca Virtual de Saúde (BvS) aplicando uma estratégia adaptada a cada base e registrada em planilhas (Excel) e documentos (Word). O recorte de publicação abrangeu 2016–2024. Empregaram-se descritores DeCS e termos MeSH alinhados ao tema, combinados com operadores booleanos, incluindo: “MDR genes”, “antibiotics” e “environment”, de forma a maximizar a recuperação de estudos relevantes. A seleção seguiu as diretrizes PRISMA: inicialmente, títulos e resumos foram triados para verificar aderência à pergunta; os estudos potencialmente elegíveis foram lidos na íntegra para confirmação dos critérios. Incluíram-se artigos que abordassem ambientes naturais (rios, lagos, águas costeiras, solos, sedimentos, fauna silvestre) e/ou ambientes antrópicos (esgoto doméstico/hospitalar, ETEs/ETEs industriais, efluentes de fazendas, aquícolas, solos agrícolas adubados, poeira urbana). Excluíram-se textos fora do escopo, incompletos, sem clareza metodológica ou sem dados necessários; duplicatas foram identificadas e removidas na fase inicial. Foram considerados estudos em inglês. A extração utilizou formulário padronizado para capturar, de modo consistente, informações essenciais (características dos estudos, amostras, métodos, desfechos e achados principais), que foram consolidadas em um banco de dados centralizado. Para a síntese, os estudos foram organizados em agrupamentos conforme tipos de ambiente, espécies de microrganismos multirresistentes e como as pressões seletivas foram introduzidas nesses ambientes, permitindo uma análise integrada e comparável dos resultados.

RESULTADOS

De acordo com os descritores utilizados na metodologia do estudo, 83 artigos foram identificados. Entre os padrões de inclusão de material, foram incluídos trabalhos completos, disponíveis na íntegra e que obedecem à temática do trabalho. Em relação aos critérios de exclusão, foram descartados materiais incompletos, que não se enquadram com o tema e indisponíveis nas plataformas de buscas. Após uma segunda análise detalhada sobre os artigos encontrados, 46 artigos foram excluídos por não conterem relevância direta à pesquisa proposta, além de serem duplicados. Respondendo aos critérios de elegibilidade, 35 artigos foram avaliados, porém, apenas 18 trabalhos foram incluídos por se enquadrarem ao tema proposto (figura 1).

Foram examinados 35 estudos identificados em bancos de dados que cumpriam os critérios de inclusão. Esses estudos se resumiam em vários tipos de pesquisa, como revisões de literatura, estudos transversais, estudos longitudinais, entre outros. Foram organizados com base em diferentes atributos, como o autor principal, ano de publicação, título do trabalho e abordagem ao tema principal deste trabalho. Entretanto, para a análise e discussão, foram selecionados 18 estudos que eram mais complexos e que forneciam informações relevantes e mais alinhadas com o tema em questão. A revisão detalhada desses estudos em busca de respostas para a pergunta central resultou na elaboração de um quadro apresentado a seguir (quadro 1).

Figura 1. Fluxograma representativo da triagem de material selecionado para o estudo.



Quadro 1. Distribuição das referências selecionadas ao trabalho de revisão de literatura, incluindo primeiro autor, ano de publicação e resumo da abordagem científica.

Referência	Abordagem
Scott, Lee & Aw (2020)[19]	Revisou estudos sobre RAM em ambientes com mínima influência humana, visando estabelecer níveis de fundo de ARB e ARGs. Detectaram ARB e ARGs em ambientes remotos como Antártida, geleiras e áreas alpinas, embora os métodos de análise ainda sejam pouco padronizados. Há necessidade de estudos ao longo de gradientes de influência humana para distinguir níveis naturais de contaminação.
O'Flaherty et al. (2019)[20]	Avaliou o risco de exposição humana a Escherichia coli resistente por consumo de alface irrigada com água contaminada. O modelo quantitativo estimou exposição entre 10^{-2} e $1{,}35\times10^{6}$ UFC por 100 g de alface, com probabilidade de doença variando de 10^{-9} a 10^{-2}, evidenciando risco significativo para consumidores mesmo após lavagem.
Crettels et al. (2023)[21]	Investigou a prevalência de *E. coli* resistente em águas doces na Bélgica e estimou risco de exposição humana. Detectaram alta prevalência de *E. coli* resistente em rios de uso recreativo, sugerindo risco relevante à saúde humana pela contaminação de águas superficiais.
Suzuki et al. (2019)[22]	Avaliou o crescimento e a aquisição de resistência por *E. coli* em rio que recebe efluente tratado. Demonstraram que o ambiente fluvial favorece tanto a proliferação, quanto à aquisição de resistência em cepas de *E. coli* após entrada de efluentes.
Windels et al. (2019)[23]	Explorou a relação entre tolerância bacteriana e desenvolvimento de resistência a antibióticos. Observaram que tolerância preexistente estende o tempo de sobrevivência sob exposição subinibitória, aumentando chance de surgimento de mutações resistentes.
Pantanella et al. (2020)[24]	Avaliou o efeito de efluentes urbanos na abundância de ARGs e *E. coli* resistente em dois rios italianos. Constatou aumento significativo de ARGs (sul1, blaTEM etc.) e *E. coli* resistente em trechos após ETE, sugerindo influência de efluentes urbanos.
Paulshus et al. (2019)[25]	Comparou a diversidade e a resistência de *E. coli* em esgotos hospitalares, comunitários e de sistema de tratamento urbano. Apesar de diferenças entre fontes, ETEs apresentaram elevada diversidade de cepas multirresistentes, evidenciando que estações não eliminam completamente ARGs.

Referência	Abordagem
Amador et al. (2019)[26]	Avaliou a prevalência de genes de resistência em Enterobacteriaceae de esterco animal em Portugal. Encontraram alta presença de multirresistência, incluindo genes para β-lactâmicos e aminoglicosídeos, reforçando risco de disseminação via resíduos agropecuários.
Marcoleta et al. (2022)[27]	Caracterizou o resistoma em solos da Península Antártica usando metagenômica. Revelou alta diversidade de ARGs, inclusive novos genes associados a elementos genéticos móveis, mostrando o solo como fonte natural de resistência.
Rodriguez-Mozaz et al. (2020)[28]	Mediu resíduos de antibióticos em efluentes finais de ETEs europeias e avaliou impacto aquático. Detectaram concentrações variáveis de resíduos antibióticos, com potencial para seleção de bactérias resistentes nos ecossistemas receptores.
Sabri et al. (2020)[29]	Avaliou a prevalência de antibióticos e ARGs em rio receptor de efluente na Holanda. Constatou presença relevante de ARGs e antibióticos no rio, indicando falhas na remoção eficaz desses poluentes pelas ETEs.
Khan, Söderquist & Jass (2019)[30]	Avaliou a diversidade de ARGs em ambientes aquáticos suecos impactados por esgotos domésticos e hospitalares. Encontraram grande diversidade de ARGs ligados a antibióticos clínicos, revelando disseminação em ambientes de saneamento avançado.
Pärnänen et al. (2019)[31]	Analisou o padrão de resistência em ETEs de 12 países europeus e comparou com prevalência clínica. Foi observado padrão de resistência nas ETEs, refletiu, claramente, os dados clínicos mundiais, sugerindo interconexão entre saúde pública e ambiental.
Dickinson et al. (2019)[32]	Avaliou o impacto de metais pesados na coseleção de ARGs, usando sedimentos históricos. Evidenciaram associação entre contaminação por metais e manutenção de ARGs, destacando coseletividade ambiental de poluentes diversos.
Verburg et al. (2019)[33]	Avaliou a abundância e a resistência de três espécies bacterianas ao longo da rota do esgoto. Embora ETEs reduzam carga bacteriana, proporção de cepas resistentes permaneceu alta até o ponto de lançamento, constituindo risco ambiental.
Skof et al. (2024)[34]	Comparou a resistência de populações de *E. coli* de água e biofilme em rios. Isolamentos de biofilmes apresentaram maior diversidade resistômica que os da água, sugerindo atuação como reservatórios ambientais.
Jebri, Rahmani & Hmaied (2021)[35]	Investigou o papel de bacteriófagos como vetores de ARGs em sistemas agroalimentares, demonstrando que fagos isolados de ambientes agroalimentares carregam ARGs e podem contribuir para transferência horizontal entre bactérias.
Hooban et al. (2021)[36]	Realizou levantamento da prevalência de resistência em meio ambiente irlandês (2018–19). Encontraram alta prevalência de resistência em múltiplos ambientes, incluindo áreas não clínicas, reforçando importância de vigilância ambiental.

DISCUSSÃO

Embora os ambientes antropizados sejam amplamente reconhecidos como hotspots para o desenvolvimento e a disseminação de ARGs, evidências crescentes mostram que, até mesmo, ecossistemas minimamente impactados podem abrigar resistomas diversos e funcionalmente relevantes. Estudos realizados em ambientes remotos — como geleiras, áreas de alta montanha e solos da Antártica — contêm bactérias resistentes a múltiplos antibióticos, inclusive genes associados à resistência clínica. Isso sugere que a resistência antimicrobiana é, em parte, um fenômeno natural e antigo, resultado de processos evolutivos ligados à competição microbiana em nichos ecológicos específicos[19]. De forma complementar, análises do solo da Península Antártica caracterizaram essa região como uma fonte de resistência até então desconhecida, com a presença de genes bastante diversos, incluindo determinantes genéticos potencialmente mobilizáveis. Esses achados reforçam a hipótese de que o resistoma natural representa um reservatório primário de resistência, o qual pode ser ativado ou transferido para patógenos humanos sob determinadas pressões ambientais. A detecção desses genes em áreas de baixa atividade antrópica destaca a importância de entender a ecologia microbiana em regiões remotas como base para a previsão de riscos emergentes e para a delimitação entre resistência natural e adquirida por contaminação humana[27].

A contaminação de águas superficiais com microrganismos resistentes tem-se tornado uma preocupação crescente, especialmente diante da presença recorrente de *E. coli* multirresistente em ambientes aquáticos de uso recreativo ou próximo a áreas urbanas. Em um estudo conduzido na Bélgica, relatou-se alta prevalência de *E. coli* resistente em amostras de água doce, associando essa presença à potencial

exposição humana em rios amplamente utilizados para lazer e abastecimento[21]. De modo semelhante, observou-se que o despejo de efluentes tratados em corpos hídricos contribui não apenas para a persistência, mas também para o crescimento de cepas de *E. coli* capazes de adquirir resistência a múltiplos antibióticos ao longo do curso fluvial[22]. Complementando essas evidências, verificou-se que as populações de *E. coli* associadas a biofilmes em leitos de rios apresentavam maior diversidade de perfis de resistência do que aquelas isoladas diretamente da água, indicando que estruturas microbianas aderidas podem funcionar como reservatórios e amplificadores locais de ARGs[34]. Além disso, estudos que investigaram resíduos de antibióticos em efluentes de estações de tratamento na Europa, destacam que a presença contínua desses compostos nos corpos d'água reforça a seleção positiva de microrganismos resistentes[28]. A situação se agrava em ambientes receptores de esgoto parcialmente tratado, como demonstrado em rios da Holanda, onde foram detectadas concentrações elevadas de ARGs e bactérias resistentes ao longo de trechos urbanos[29]. De forma convergente, foi documentada ampla diversidade de genes de resistência em ambientes aquáticos suecos impactados por efluentes domésticos e hospitalares, evidenciando que a disseminação de ARGs em rios pode ocorrer mesmo em países com políticas de saneamento mais rígidas30. Esses achados indicam que águas superficiais, especialmente aquelas próximas a centros urbanos ou afetadas por despejos contínuos, representam um elo crítico entre fontes ambientais de resistência e os riscos diretos à saúde pública, exigindo estratégias específicas de vigilância e remediação[21,22,28-30,34].

Além da contaminação direta de ambientes aquáticos, a resistência antimicrobiana também se insere na cadeia alimentar por meio do uso de água de reuso na irrigação, especialmente em regiões urbanas e periurbanas. Estudos têm investigado o risco de exposição humana a *E. coli* resistente por meio do consumo de alface irrigada com água contaminada, e identificaram a presença de cepas resistentes em níveis potencialmente infecciosos nos vegetais analisados. O estudo revelou que o risco não se limita à presença de bactérias viáveis nos alimentos crus, mas inclui também a possível transferência de genes de resistência para outras espécies comensais ou patogênicas da microbiota humana após o consumo[20]. De forma complementar, foi demonstrado que demonstraram que o lançamento de esgoto urbano em rios utilizados para irrigação elevou, significativamente, a abundância de ARGs e de *E. coli* resistente à cefotaxima e à ampicilina nas águas de dois rios italianos. Esses dados sugerem que práticas agrícolas dependentes de fontes hídricas contaminadas podem funcionar como rotas silenciosas de reintrodução de microrganismos resistentes ao ambiente humano, desafiando a eficácia de estratégias focadas exclusivamente no controle clínico da resistência[24]. Diante disso, torna-se fundamental regulamentar e monitorar, com rigor, o uso de águas residuais na agricultura e avaliar, continuamente, os impactos da irrigação com efluentes sobre a segurança alimentar e a saúde pública[20,24].

As ETEs desempenham um papel estratégico no controle da disseminação de microrganismos resistentes, pois atuam como ponto de convergência de efluentes hospitalares, domésticos e industriais. No entanto, diversos estudos têm evidenciado que, em vez de interromper totalmente a transmissão, as ETEs frequentemente atuam como *hotspots* de acúmulo e dispersão de genes de resistência. Comparações entre populações de *E. coli* isoladas de esgotos hospitalares e comunitários com aquelas provenientes de ETEs urbanas, observando que, embora o perfil de resistência variasse entre as fontes, a diversidade de cepas multirresistentes permanecia elevada mesmo após o tratamento[25]. Em uma análise mais ampla, conduzida com amostras de 12 países europeus e mostraram que o padrão de resistência detectado nas ETEs refletia, diretamente, a prevalência clínica de resistência antimicrobiana em cada país, sugerindo uma conexão estreita entre os sistemas de saúde e o resistoma ambiental. Essa observação reforça a importância de políticas integradas entre saúde pública e saneamento[31]. Além disso, estudos que acompanharam a trajetória de três espécies bacterianas ao longo de toda a rota do esgoto — desde hospitais e residências até o lançamento final no ambiente — e demonstraram que, embora o tratamento reduzisse a carga bacteriana total, a proporção de microrganismos resistentes e a presença de ARGs críticos permaneciam substanciais nas saídas dos sistemas de tratamento[33]. Esses achados indicam que as ETEs, mesmo quando eficientes na remoção de matéria orgânica e sólidos, ainda não são completamente eficazes na retenção de genes de resistência e podem contribuir para sua liberação sistemática nos corpos hídricos, mantendo o ciclo de retroalimentação entre ambientes urbanos, clínicos e naturais[25,31,33].

O ambiente agrícola representa outro componente crítico na cadeia de disseminação da resistência antimicrobiana, especialmente por meio do uso intensivo de antibióticos na produção animal e do manejo inadequado de resíduos orgânicos. Em um estudo realizado em Portugal, foi investigada a prevalência de genes de resistência em *Enterobacteriaceae* isoladas de esterco de animais, observando altos índices de multirresistência, incluindo genes relacionados à resistência a β-lactâmicos e aminoglicosídeos. A aplicação desse tipo de resíduo como fertilizante orgânico em plantações pode introduzir bactérias resistentes e seus determinantes genéticos diretamente no solo agrícola, ampliando o risco de contaminação de águas subterrâneas, culturas alimentares e trabalhadores rurais[26]. Além dos mecanismos diretos, processos indiretos também contribuem para a disseminação da resistência nesse contexto. A atuação de fagos como vetores de genes de resistência tem sido amplamente documentada no ambiente agroalimentar. Diversos estudos destacam o papel dos bacteriófagos como carregadores e possíveis disseminadores de ARGs em sistemas agrícolas e alimentares, demonstrando que esses vírus, por meio de transdução, podem promover a transferência horizontal de resistência entre diferentes espécies bacterianas, inclusive em contextos não clínicos[35]. Esses dados revelam que os solos tratados com resíduos de origem animal e os próprios produtos agropecuários podem constituir reservatórios ativos de resistência, e que a vigilância

sobre o uso de antibióticos na agropecuária deve ser integrada às estratégias de mitigação da resistência em escala global[26,35].

Além do uso direto de antibióticos, diversos fatores ambientais podem contribuir para a manutenção e a propagação de genes de resistência por meio de mecanismos de coseleção. Poluentes como metais pesados, biocidas e outros compostos tóxicos presentes em ambientes contaminados exercem pressões seletivas paralelas, favorecendo a persistência de microrganismos multirresistentes mesmo na ausência de antibióticos. Estudos que aplicaram uma abordagem de "paleontologia microbiana" para mostrar como a contaminação por metais pesados ao longo do tempo está associada ao acúmulo e à manutenção de ARGs em sedimentos aquáticos, sugerindo que esses elementos atuam como coseletores ambientais32. De forma complementar, pesquisas têm discutido que a tolerância bacteriana, muitas vezes prévia à resistência genética propriamente dita, pode ser favorecida por condições ambientais hostis, como flutuações de nutrientes, temperaturas extremas ou exposição a substâncias antimicrobianas subinibitórias. Essa tolerância aumenta a janela temporal em que mutações vantajosas podem ocorrer, facilitando o surgimento de resistência estável23. Por fim, um levantamento nacional realizado na Irlanda, revelaram que ambientes impactados por diferentes fontes de poluição — como áreas agrícolas, urbanas e industriais — apresentavam prevalência elevada de resistência mesmo em locais considerados não clínicos, sugerindo que a soma de múltiplos estressores ecológicos pode intensificar a pressão seletiva sobre a microbiota ambiental36. Esses dados ressaltam a importância de considerar fatores ecológicos e contaminantes não antibióticos no entendimento da dinâmica da resistência, reforçando a abordagem "*One Health*" como eixo integrador entre saúde humana, animal e ambiental[23,32,36].

CONSLUSÃO

A resistência antimicrobiana é um fenômeno multifacetado que transcende os limites do ambiente clínico, estendendo-se por diversos compartimentos ambientais, desde os solos e as águas urbanas até regiões remotas com mínima interferência humana. Os achados aqui revisados revelam que *E. coli* resistente e genes de resistência antimicrobiana estão amplamente disseminados em águas superficiais, biofilmes, alimentos irrigados com água contaminada, solos tratados com resíduos agropecuários e, até mesmo, em regiões polares, compondo um resistoma ambiental complexo e dinâmico.

Essa ampla distribuição decorre de pressões seletivas variadas, incluindo o uso inadequado de antibióticos na medicina e na agropecuária, falhas no tratamento de efluentes, e a presença de poluentes coseletores, como metais pesados. As estações de tratamento de esgoto, embora sejam essenciais para o controle sanitário, ainda representam pontos críticos de transbordamento de genes de resistência para os ecossistemas aquáticos. Além disso, mecanismos como a transferência horizontal de genes por bacteriófagos e o papel dos biofilmes ampliam o potencial de manutenção e a disseminação desses determinantes genéticos no ambiente.

Os dados apresentados reforçam a necessidade de estratégias integradas e interdisciplinares para o enfrentamento da resistência antimicrobiana, alinhadas ao conceito de *One Health*. A vigilância ambiental contínua, o investimento em tecnologias de tratamento mais eficientes, o uso racional de antibióticos em todas as esferas e o monitoramento de práticas agrícolas e industriais são elementos essenciais para conter a propagação da resistência e seus impactos sobre a saúde pública global.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos ao Centro Universitário Christus (Unichristus) e ao Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia (RENORBIO) pelo apoio institucional e por proporcionarem o espaço e as condições necessárias para o desenvolvimento deste trabalho. Agradecemos, também, à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) pela concessão da bolsa de doutorado ao estudante Celso Gabriel Barroso Filho.

REFERÊNCIAS

1. Davies J, Davies D. Origins and evolution of antibiotic resistance. Microbiol Mol Biol Rev. 2010 Sep; 74(3): 417-33. doi: 10.1128/MMBR.00016-10. PMID: 20805405.

2. Larsson DG, Flach CF. Antibiotic resistance in the environment. Nat Rev Microbiol. 2022 May; 20(5): 257-269. doi: 10.1038/s41579-021-00649-x. PMID: 34737424.

3. Santos A, Burgos F, Martinez-Urtaza J, Barrientos L. Metagenomic Characterization of Resistance Genes in Deception Island and Their Association with Mobile Genetic Elements. Microorganisms. 2022 Jul 15; 10(7): 1432. doi: 10.3390/microorganisms10071432. PMID: 35889151.

4. Bouki C, Venieri D, Diamadopoulos E. Detection and fate of antibiotic-resistant bacteria in wastewater treatment plants: a review. Ecotoxicol Environ Saf. 2013 May; 91: 1-9. doi: 10.1016/j.ecoenv.2013.01.016. PMID: 23414720.

5. Zhang S, Han B, Gu J, Wang C, Wang P, Ma Y, et al. Fate of antibiotic resistant cultivable heterotrophic bacteria and antibiotic resistance genes in wastewater treatment processes. Chemosphere. 2015 Sep; 135: 138-45. doi: 10.1016/j.chemosphere.2015.04.001. PMID: 25950407.

6. Machado EC, Leal CD, Coelho BL, Chernicharo CA, Araújo JC. Detecção e quantificação de bactérias resistentes aos antibióticos ampicilina e cloranfenicol em estações de tratamento de esgoto doméstico. Engenharia Sanitaria e Ambiental. 2020 Nov-Dec; 25(6): 847-857. doi: https://doi.org/10.1590/S1413-4152202020180001.

7. Guo X, Tang N, Lei H, Fang Q, Liu L, Zhou Q, Song C. Metagenomic Analysis of Antibiotic Resistance Genes in Untreated Wastewater From Three Different Hospitals. Front Microbiol. 2021 Aug; 12: 709051. doi: 10.3389/fmicb.2021.709051. PMID: 34504480.

8. Wu D, Jin L, Xie J, Liu H, Zhao J, Ye D, Li XD. Inhalable antibiotic resistomes emitted from hospitals: metagenomic insights into bacterial hosts, clinical relevance, and environmental risks. Microbiome. 2022 Jan; 10(1): 19. doi: 10.1186/s40168-021-01197-5. PMID: 35086564.

9. Frost LS, Leplae R, Summers AO, Toussaint A. Mobile genetic elements: the agents of open-source evolution. Nat Rev Microbiol. 2005 Sep; 3(9): 722-32.

doi: 10.1038/nrmicro1235. PMID: 16138100.

10. Aarestrup FM, Seyfarth AM, Emborg HD, Pedersen K, Hendriksen RS, Bager F. Effect of abolishment of the use of antimicrobial agents for growth promotion on occurrence of antimicrobial resistance in fecal enterococci from food animals in Denmark. Antimicrob Agents Chemother. 2001 Jul; 45(7): 2054-9. doi: 10.1128/AAC.45.7.2054-2059.2001. PMID: 11408222.

11. Taylor P, Reeder R. Antibiotic use on crops in low and middle-income countries based on recommendations made by agricultural advisors. CABI Agri Biosc. 2020 Mar; 1(1): 1-14. doi: https://doi.org/10.1186/s43170-020-00001-y.

12. Gao FZ, He LY, Bai H, He LX, Zhang M, Chen ZY, et al. Airborne bacterial community and antibiotic resistome in the swine farming environment: Metagenomic insights into livestock relevance, pathogen hosts and public risks. Environ Int. 2023 Feb; 172: 107751. doi: 10.1016/j.envint.2023.107751. PMID: 36680804.

13. Ge B, White DG, McDermott PF, Girard W, Zhao S, Hubert S, Meng J. Antimicrobial-resistant Campylobacter species from retail raw meats. Appl Environ Microbiol. 2003 May; 69(5): 3005-7. doi: 10.1128/AEM.69.5.3005-3007.2003. PMID: 12732579.

14. Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. Lancet. 2022 Feb; 399(10325): 629-655. doi: 10.1016/S0140-6736(21)02724-0. PMID: 35065702.

15. Versporten A, Zarb P, Caniaux I, Gros MF, Drapier N, Miller M, et al. Antimicrobial consumption and resistance in adult hospital inpatients in 53 countries: results of an internet-based global point prevalence survey. Lancet Glob Health. 2018 Jun; 6(6): e619-e629. doi: 10.1016/S2214-109X(18)30186-4. PMID: 29681513.

16. Zhang Z, Zhang Q, Wang T, Xu N, Lu T, Hong W, et al. Assessment of global health risk of antibiotic resistance genes. Nat Commun. 2022 Mar 23; 13(1): 1553. doi: 10.1038/s41467-022-29283-8. PMID: 35322038.

17. Pehrsson EC, Tsukayama P, Patel S, Mejía-Bautista M, Sosa-Soto G, Navarrete KM, et al. Interconnected microbiomes and resistomes in low-income human habitats. Nature. 2016 May; 533(7602): 212-6. doi: 10.1038/nature17672. PMID: 27172044.

18. Munk P, Brinch C, Møller FD, Petersen TN, Hendriksen RS, Seyfarth AM, et al. Genomic analysis of sewage from 101 countries reveals global landscape of antimicrobial resistance. Nat Commun. 2022 Dec; 13(1): 7251. doi: 10.1038/s41467-022-34312-7. PMID: 36456547.

19. Scott LC, Lee N, Aw TG. Antibiotic Resistance in Minimally Human-Impacted Environments. Int J Environ Res Public Health. 2020 Jun 2; 17(11): 3939. doi: 10.3390/ijerph17113939. PMID: 3249834.

20. O'Flaherty E, Solimini AG, Pantanella F, De Giusti M, Cummins E. Human exposure to antibiotic resistant-Escherichia coli through irrigated lettuce. Environ Int. 2019 Jan; 122: 270-280. doi: 10.1016/j.envint.2018.11.022. PMID: 30449627.

21. Crettels L, Champon L, Burlion N, Delrée E, Saegerman C, Thiry D. Antimicrobial resistant Escherichia coli prevalence in freshwaters in Belgium and human exposure risk assessment. Heliyon. 2023 May 24; 9(6): e16538. doi: 10.1016/j.heliyon.2023.e16538. PMID: 37287612.

22. Suzuki Y, Hashimoto R, Xie H, Nishimura E, Nishiyama M, Nukazawa K, Ishii S. Growth and antibiotic resistance acquisition of Escherichia coli in a river that receives treated sewage effluent. Sci Total Environ. 2019 Nov 10; 690: 696-704. doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.07.050. PMID: 31301509.

23. Windels EM, Michiels JE, Van den Bergh B, Fauvart M, Michiels J. Antibiotics: Combatting Tolerance To Stop Resistance. mBio. 2019 Sep 10; 10(5): e02095-19. doi: 10.1128/mBio.02095-19. PMID: 31506315.

24. Pantanella F, Lekunberri I, Gagliardi A, Venuto G, Sànchez-Melsió A, Fabiani M, et al. Effect of Urban Wastewater Discharge on the Abundance of Antibiotic Resistance Genes and Antibiotic-Resistant Escherichia coli in Two Italian Rivers. Int J Environ Res Public Health. 2020 Sep 18; 17(18): 6813. doi: 10.3390/ijerph17186813. PMID: 32962009.

25. Paulshus E, Kühn I, Möllby R, Colque P, O'Sullivan K, Midtvedt T, Lingaas E, et al. Diversity and antibiotic resistance among Escherichia coli populations in hospital and community wastewater compared to wastewater at the receiving urban treatment plant. Water Res. 2019 Sep 15; 161: 232-241. doi: 10.1016/j.watres.2019.05.102. PMID: 31202110.

26. Amador P, Fernandes R, Prudêncio C, Duarte I. Prevalence of Antibiotic Resistance Genes in Multidrug-Resistant Enterobacteriaceae on Portuguese Livestock Manure. Antibiotics (Basel). 2019 Mar 13; 8(1): 23. doi: 10.3390/antibiotics8010023. PMID: 30871244.

27. Marcoleta AE, Arros P, Varas MA, Costa J, Rojas-Salgado J, Berríos-Pastén C, et al. The highly diverse Antarctic Peninsula soil microbiota as a source of novel resistance genes. Sci Total Environ. 2022 Mar 1; 810: 152003. doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.152003. PMID: 34856283.

28. Rodriguez-Mozaz S, Vaz-Moreira I, Giustina SV, Llorca M, Barceló D, Schubert S, et al. Antibiotic residues in final effluents of European wastewater treatment plants and their impact on the aquatic environment. Environ Int. 2020 Jul; 140: 105733. doi: 10.1016/j.envint.2020.105733. PMID: 32353669.

29. Sabri N, Schmitt H, Van der Zaan B, Gerritsen HW, Zuidema T, Rijnaarts HHM, et al. Prevalence of antibiotics and antibiotic resistance genes in a wastewater effluent-receiving river in the Netherlands. J Environ Chemic Engin. 2020 Feb; 8(1): 102245. doi: https://doi.org/10.1016/j.jece.2018.03.004.

30. Khan FA, Söderquist B, Jass J. Prevalence and Diversity of Antibiotic Resistance Genes in Swedish Aquatic Environments Impacted by Household and Hospital Wastewater. Front Microbiol. 2019 Apr 4; 10: 688. doi: 10.3389/fmicb.2019.00688. PMID: 31019498.

31. Pärnänen KM, Narciso-da-Rocha C, Kneis D, Berendonk TU, Cacace D, Do TT, Elpers C, et al. Antibiotic resistance in European wastewater treatment plants mirrors the pattern of clinical antibiotic resistance prevalence. Sci Adv. 2019 Mar 27; 5(3): eaau9124. doi: 10.1126/sciadv.aau9124. PMID: 30944853.

32. Dickinson AW, Power A, Hansen MG, Brandt KK, Piliposian G, Appleby P, et al. Heavy metal pollution and co-selection for antibiotic resistance: A microbial palaeontology approach. Environ Int. 2019 Nov; 132: 105117. doi: 10.1016/j.envint.2019.105117. PMID: 31473413.

33. Verburg I, García-Cobos S, Leal LH, Waar K, Friedrich AW, Schmitt H. Abundance and Antimicrobial Resistance of Three Bacterial Species along a Complete Wastewater Pathway. Microorganisms. 2019 Sep 3; 7(9): 312. doi: 10.3390/microorganisms7090312. PMID: 31484380.

34. Skof A, Koller M, Baumert R, Hautz J, Treiber F, Kittinger C, Zarfel G. Comparison of the Antibiotic Resistance of Escherichia coli Populations from Water and Biofilm in River Environments. Pathogens. 2024 Feb 13; 13(2): 171. doi: 10.3390/pathogens13020171. PMID: 38392909.

35. Jebri S, Rahmani F, Hmaied F. Bacteriophages as antibiotic resistance genes carriers in agro-food systems. J Appl Microbiol. 2021 Mar; 130(3): 688-698. doi: 10.1111/jam.14851. PMID: 32916015.

36. Hooban B, Fitzhenry K, Cahill N, Joyce A, O' Connor L, Bray JE, et al. A Point prevalence survey of antibiotic resistance in the irish environment, 2018-2019. Environ Int. 2021 Jul; 152: 106466. doi: 10.1016/j.envint.2021.106466. PMID: 33706038.

Como citar este artigo/ How to cite this article:
Dantas GT, Barroso CG Filho, Melo VMM, Ximenes JCM. Resistência antimicrobiana em ambientes naturais e antrópicos: disseminação, riscos e vigilância integrada. J Health Biol Sci. 2025; 13(1): e6036.